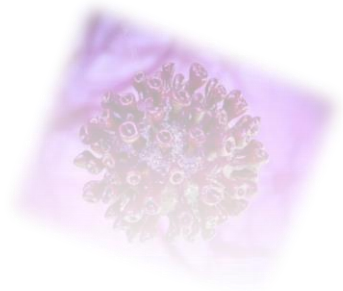


# Vigilancia genómica del SARS-CoV-2 desde noviembre de 2021 a mayo de 2022 en Cuba



**Lisandra Mary Macias Roig; Samuel Salinas Ramos; Lissette Pérez Santos; Vivian Kourí Cardellá; Yahisel Tejero Suárez; María G Guzmán Tirado; Yanet Pintos Saavedra; Dailyn Medero Díaz.**

# Introducción

- La COVID-19 es una enfermedad infecciosa causada por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2.
- Su rápida propagación y capacidad de generar mutaciones pueden proporcionar al virus ventajas desde el punto de vista evolutivo, impactando en la transmisibilidad, la evolución de la enfermedad o el escape al sistema inmune.
- La vigilancia genómica global y el rápido intercambio de código abierto de secuencias del genoma viral han facilitado la detección, la comparación y el seguimiento casi en tiempo real de las variantes evolutivas del SARS-CoV-2.

# Objetivo.

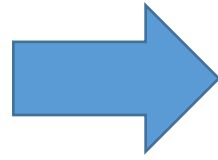
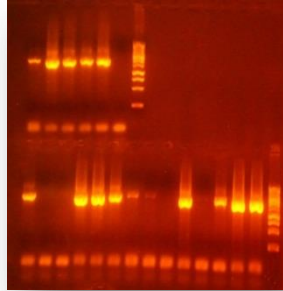
- Identificar las variantes de SARS-CoV-2 presentes en las muestras recibidas en el Laboratorio Nacional de Referencia de virus Influenza y otros virus respiratorios desde noviembre de 2021 hasta mayo de 2022.

# Materiales y Métodos

## Criterios de selección de la muestra

- Vigilancia regular en áreas de alta transmisión
- Diferentes grupos de edades
- Diferente severidad de casos, medios, severos y fatales
- Áreas donde se presente un incremento significativo de los casos

**552 Muestras clínicas  
positivas a SARS-  
CoV-2 (ENF)**



**EXTRACCIÓN AUTOMÁTICA DE ARN (QIAamp  
Viral RNA, QIAcube)**



**RT-RCP (Fragmento 1836 pb del gen S de SARS-  
CoV-2 (One Step RT-PCR (QIAGEN, Alemania).**



**Electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con Gel  
Red**



**Purificación del producto de PCR y reacción de  
secuencia**



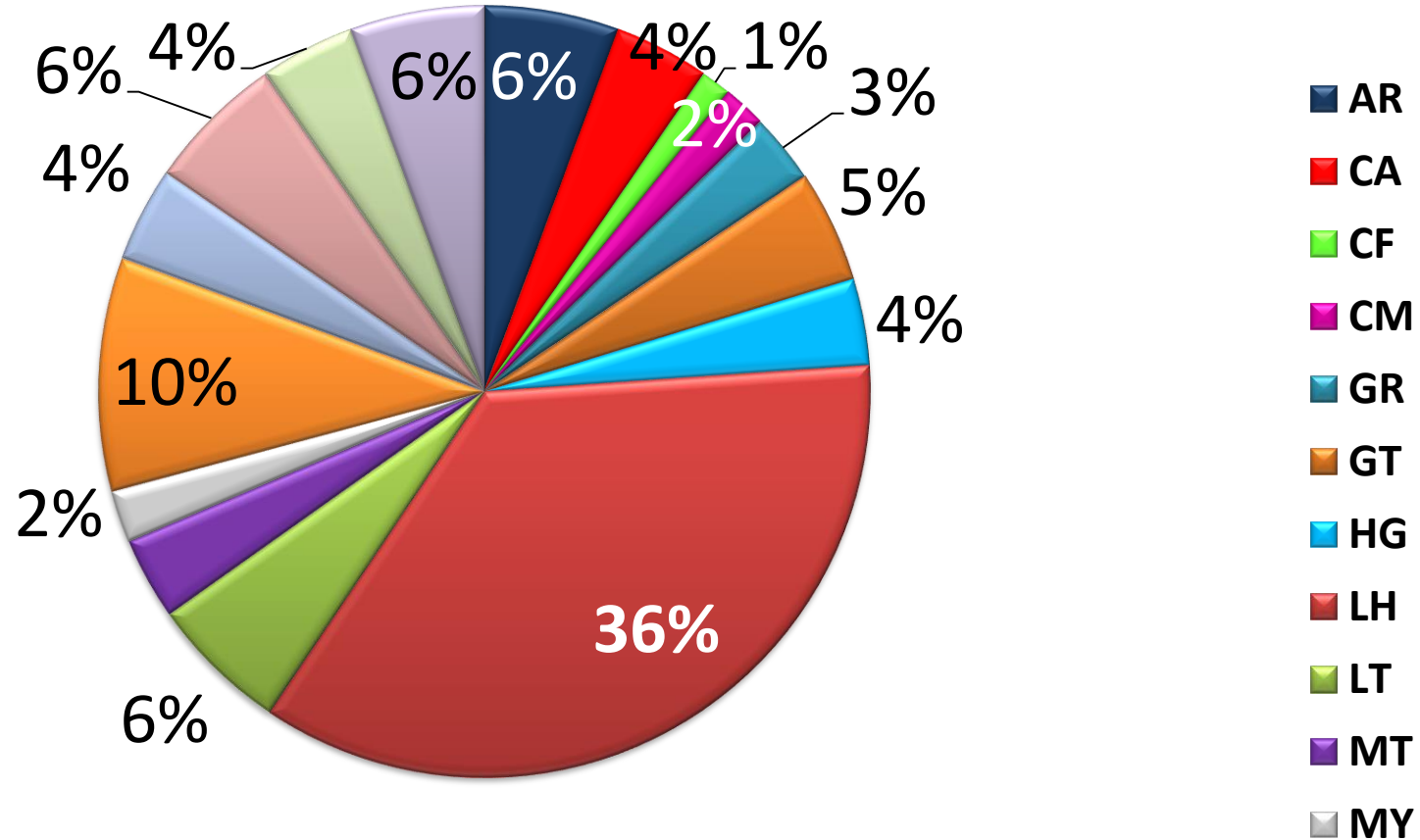
**Purificación del producto de secuencia. Corrida en  
secuenciador automático Beckman Coulter modelo  
CEQTM8800**



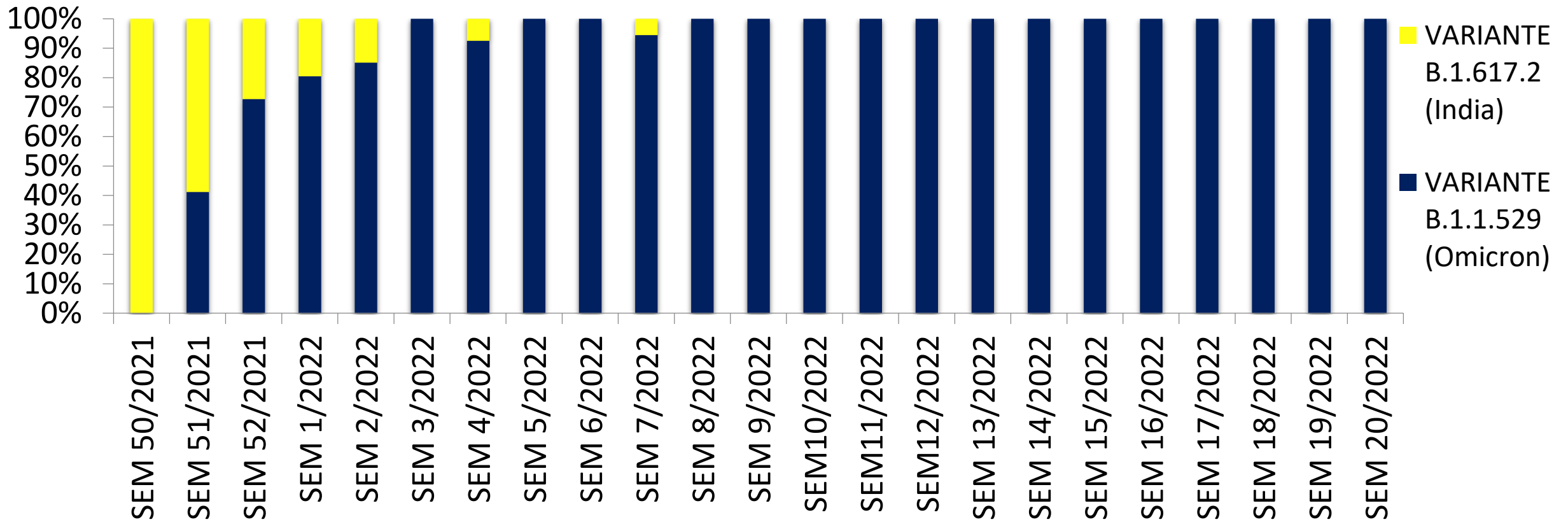
**Edición y análisis  
filogenéticos  
(GISAID)  
Sequencher 4.9**



# Resultados



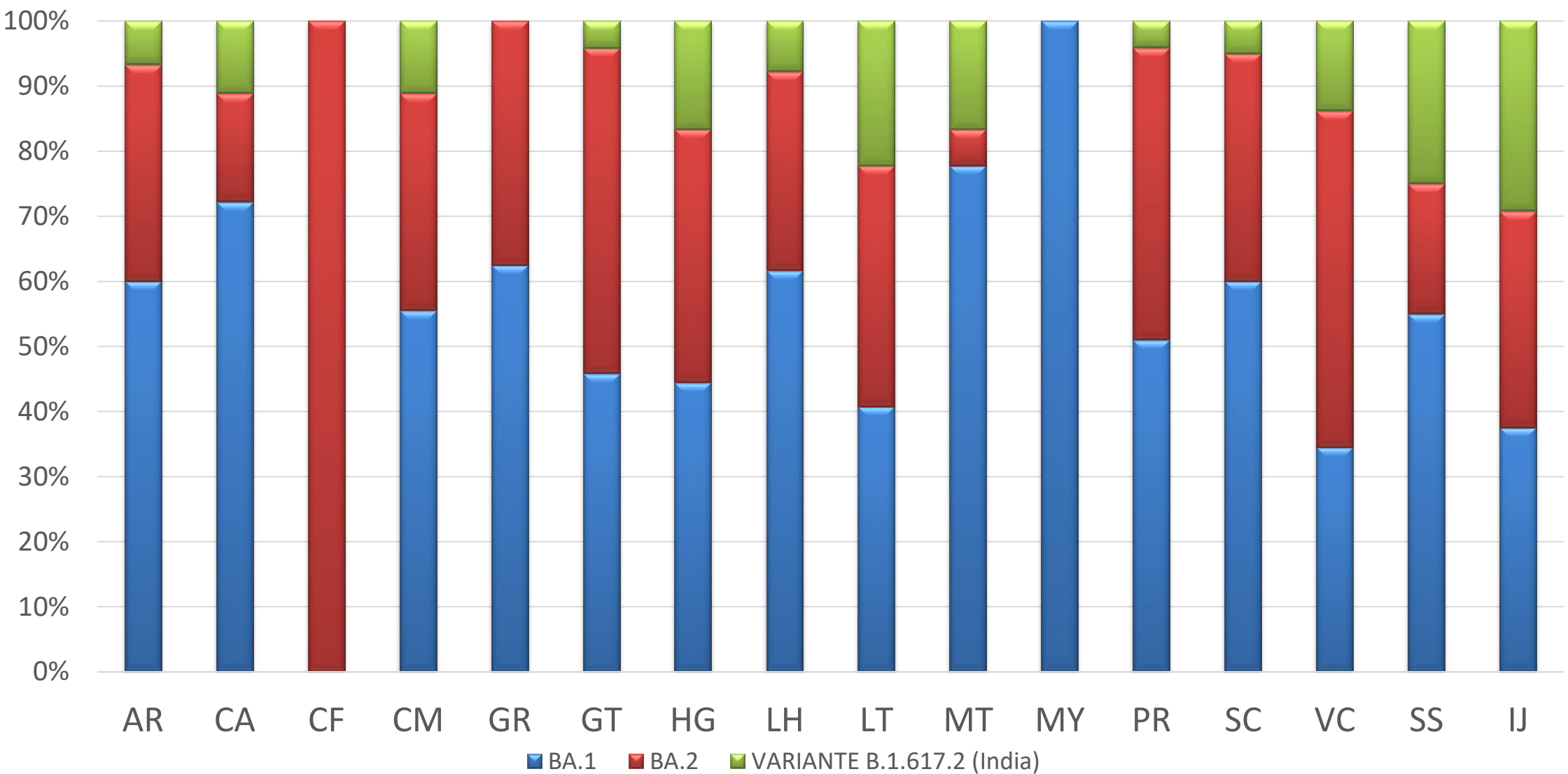
**Figura 1.** Porcentaje de muestras positivas a SARS CoV-2 procesadas para la vigilancia epidemiológica por provincias (noviembre 2021-mayo 2022).



**Figura 2..** Porcentaje de variantes genéticas de SARS-CoV-2 (Delta y Omicron) distribuidas por semana epidemiológica (noviembre 2021-mayo 2022)







**Figura 4.** Porcentaje de variantes genéticas de SARS-CoV-2 (Delta, Omicron BA.1 y Omicrón BA.2) distribuidas por provincias (noviembre 2021-mayo 2022)

# Conclusiones

- La vigilancia genómica global facilitó la detección, comparación y seguimiento de las variantes del SARS-COV-2
- Omicrón se propago rápidamente por todo el país desplazando a Delta la cual había sido predominante hasta entonces.
- Las altas coberturas de vacunación logradas en Cuba podrían explicar la rápida disminución del pico Omicrón así como el comportamiento relativamente mas leve de la enfermedad.